

网络出版时间:2014-12-12 09:30

DOI:10.13207/j.cnki.jnwfufu.2015.01.033

网络出版地址:http://www.cnki.net/kcms/detail/61.1390.S.20141212.0930.033.html

华山新麦草易位系 9020-17-25-6 抗条锈病 遗传分析及细胞学鉴定

马东方^{1,2},刘署艳³,方正武^{1,2},巢凯翔²,
王保通²,井金学²,张长青¹

(1 长江大学 农学院 湿地生态与农业利用教育部工程研究中心,湖北 荆州 434025;2 西北农林科技大学
旱区作物逆境生物学国家重点实验室,陕西 杨凌 712100;3 湖北省荆州农业科学院,湖北 荆州 434000)

【摘 要】 【目的】通过对华山新麦草与 7182 远缘杂交获得的抗条锈病新种质系 9020-17-25-6 进行抗条锈病鉴定和遗传分析,明确 9020-17-25-6 含有的抗病基因以及细胞学特性。【方法】在温室内以 9020-17-25-6、感病对照铭贤 169 及其杂交后代 F_1 、 F_2 、 F_3 和 BC_1 群体为材料,采用我国目前流行的条锈菌生理小种 CYR29、CYR30、CYR31、CYR32 和 CYR33 对供试群体进行苗期抗条锈性鉴定,分析抗病基因的遗传规律,并利用基因组原位杂交(GISH)技术对 9020-17-25-6 含有的外源染色体片段进行鉴定。【结果】9020-17-25-6 在苗期对 5 个条锈菌生理小种均表现免疫或近免疫,其抗性可能来源于华山新麦草。9020-17-25-6 对 CYR32 和 CYR33 的抗病性都是由 1 对显性基因控制。GISH 分析表明,9020-17-25-6 含有来自华山新麦草的染色体或大的染色体片段,是一个普通小麦-华山新麦草易位系。【结论】华山新麦草易位系 9020-17-25-6 对我国目前流行的小麦条锈菌生理小种具有良好的抗病性,可以作为抗源在我国小麦抗锈育种中应用。

【关键词】 小麦条锈病;华山新麦草;抗病基因;遗传分析;易位系;原位杂交

【中图分类号】 S435.121.4⁺2

【文献标志码】 A

【文章编号】 1671-9387(2015)01-0053-05

Cytological characterization and resistance inheritance of wheat *Psathyrostachys huashanica* translocation line 9020-17-25-6

MA Dong-fang^{1,2},LIU Shu-yan³,FANG Zheng-wu^{1,2},CHAO Kai-xiang²,
WANG Bao-tong²,JING Jin-xue²,ZHANG Chang-qing¹

(1 College of Agriculture, Engineering Research Center of Ecology and Agricultural Use of Wetland Ministry of Education, Yangtze University, Jingzhou, Hubei 434025, China; 2 State Key Laboratory of Crop Stress Biology for Arid Areas, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China; 3 Jingzhou Agriculture Science Academy of Hubei Province, Jingzhou, Hubei 434000, China)

Abstract: 【Objective】The research was to study the inheritance of resistance to stripe rust in 9020-17-25-6, a wheat-*Psathyrostachys huashanica* translocation germplasm line previously obtained from the inter-specific hybridization of wheat genotype 7182 and *Psathyrostachys huashanica*. 【Method】Five different races of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (*Pst*), CYR29, CYR30, CYR31, CYR32 and CYR33, were selected to test the F_1 , F_2 , F_3 , and BC_1 progenies derived from 9020-17-25-6/Mingxian 169 at seedling stage in

【收稿日期】 2014-06-06

【基金项目】 公益性行业(农业)科研专项(201203032, 201303008);国家自然科学基金项目(31000846);湖北省重点(优势)学科作物学(长江大学)资助项目

【作者简介】 马东方(1984—),男,山东滕州人,博士,主要从事植物抗病遗传研究。E-mail:madongfang1984@163.com

【通信作者】 张长青(1962—),男,陕西杨凌人,教授,硕士生导师,主要从事小麦病害综合防治研究。
E-mail:qingchangzhang@tom.com

greenhouse. Genomic in situ hybridization (GISH) was applied to identify *P. huashanica* chromosomes in 9020-17-25-6. 【Result】 9020-17-25-6 was resistant to all tested Chinese races at seedling stage. Genetic analysis revealed that the resistance to CYR32 and CYR33 was controlled by a single dominant gene. A pair of signals was detected when using genomic *P. huashanica* DNA as a probe in the GISH experiment, and the translocation alien chromatin in this line was very long and cytologically detectable, further indicating that 9020-17-25-6 was a wheat-translocation line. 【Conclusion】 As a novel resistance resource, 9020-17-25-6 had good resistance against popular rusts in China and it can be applied in wheat breeding for rust resistance.

Key words: wheat stripe rust; *Psathyrostachys huashanica*; resistance genes; genetic analysis; translocation line; GISH

小麦条锈病是由专性寄生菌 (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) 所引起的世界性小麦病害, 该病害在我国西北、华北、长江中下游、西南等麦区普遍发生, 对小麦生产具有全局性的影响^[1-2]。化学药剂的大面积使用可以及时控制小麦条锈病, 但要耗费大量的人力、物力、财力, 而且污染环境。国内外大量的研究实践表明, 培育和种植抗条锈小麦品种是控制小麦条锈病最有效、环保的途径^[3]。但由于条锈菌的生理小种变异快、初始菌源量大, 小麦主栽品种的抗感病程度不同或抗源的单一化导致条锈病常年大范围发生和大区域流行^[4-5], 这严重制约着我国粮食产量的稳步增长。

至今, 国际上已经正式命名了 62 个抗条锈病新基因, 以及数 10 个暂命名的基因, 这些基因大部分表现小种专化性^[6-7]。但是种植小种专化抗病性品种会加速条锈菌新小种的定向选择^[8-9]。自 1950 年以来, 小麦品种的抗锈性经历了 7 次明显的更替。这种现象也说明了我国目前使用的抗条锈小麦种质资源十分有限^[10-11]。因此, 迫切需要寻找、鉴定、引进新的抗条锈病小麦品种(系), 对其抗条锈的遗传特点进行研究, 以便尽快增加抗病基因的多样性, 加快小麦持久抗病育种的进程。

小麦的近缘植物中含有丰富的优良抗病基因, 尤其是小麦的三级基因库具有普通小麦本身所没有的遗传特性, 挖掘控制这些特性的基因对改良普通小麦的抗性具有重要意义。利用远缘杂交技术从小麦近缘种属导入新的抗病基因到普通小麦, 是实现小麦抗源多样化的重要途径^[12-13]。已有小麦近缘植物与普通小麦杂交获得小麦附加系、代换系和易位系, 并培育出了一批含有外源基因的重要品种, 如洛夫林 13、贵农 22、小偃 6 号等品种^[1]。华山新麦草 (*Psathyrostachys huashanica* Keng) 作为小麦的近缘种属含有丰富的改良小麦种质的优异基因资源,

育种专家已成功将华山新麦草的这些优良基因导入普通小麦中, 用于小麦品种抗病性的改良^[14-15]。华山新麦草易位系 9020-17-25-6 是由原西北植物研究所傅杰等采用远缘杂交结合胚胎拯救技术, 以普通小麦 7182 为母本, 华山新麦草为父本杂交选育而成。本研究利用我国流行的条锈菌生理小种对华山新麦草易位系 9020-17-25-6 进行抗性鉴定、遗传分析和细胞学分析, 以明确 9020-17-25-6 是否携带小麦抗条锈病基因, 并鉴定抗病基因来源以及细胞学特性, 为进一步利用华山新麦草中优良抗条锈病基因提供理论支持。

1 材料与方法

1.1 供试材料

华山新麦草、普通小麦 7182、易位系 9020-17-25-6、感病对照品种铭贤 169, 均由西北农林科技大学植物保护学院抗病遗传研究室提供。以铭贤 169 为母本, 与 9020-17-25-6 进行杂交获得 F_1 、 F_2 、 F_3 、 BC_1 群体, 分单株收获。

条锈菌生理小种 CYR29、CYR30、CYR31、CYR32 和 CYR33, 均由西北农林科技大学植物保护学院抗病遗传研究室提供。

1.2 试验方法

亲本、 F_1 代各播 20 粒, 每份 F_2 代群体播种 180 粒、每份 F_3 代家系播种 20 粒、每份 BC_1 代播种 40 粒。所有供试小麦种子先用 1% 的双氧水浸泡消毒, 蒸馏水中浸种 24 h, 待其萌芽后播种在口径为 10 cm 的小花盆内, 置于温室中按常规方法培育。待小麦幼苗第 1 片叶子充分展开、第 2 片叶露尖时采用涂抹法接种第 1 片叶。先用手指蘸清水脱去小麦叶面蜡质层, 喷雾使叶面湿润, 然后用接种针蘸取条锈菌新鲜夏孢子悬浮液轻涂于叶片正面, 接种后将麦苗放入保湿暗箱(温度控制在 10 °C)中黑暗保

湿(相对湿度 100%)培养,24 h 后取出,于温室培养,温度控制在 15~17 ℃(昼)/10~12 ℃(夜),每日光照 15 h,光照强度 729 mol/(m²·s),相对湿度 80%。

1.3 调查与统计分析

待感病对照品种铭贤 169 充分发病时调查反应型。反应型分为 0、0₁、0₂、1、1⁺、2、2⁺、3⁻、3、3⁺、4 等 11 级,调查亲本、F₁、F₂、F₃ 和 BC₁ 代反应型,划分 0~2⁺ 型为抗病,3⁻~4 为感病^[16]。统计抗性分离群体 F₂ 的抗感分离比例以及 F₃ 家系的分离比例,并用 χ^2 ($\leq \chi^2_{0.05}$) 和 P 值进行适合度检验,确定最适合的分离比例,进而明确易位系 9020-17-25-6 所含的抗条锈病基因数目。

1.4 基因组原位杂交(GISH)

待种子根尖 1~2 cm 时剪取根尖,在冰水中过夜后,用卡诺氏固定液固定 24 h,45% 醋酸中压片,液氮冷冻揭片,然后置于-20 ℃冰箱保存备用;荧光原位杂交参照 Chang 等^[17]的方法。通过缺口平移法采用地高辛(Roche,Germany)标记华山新麦草总基因组 DNA,以普通小麦中国春(CS)基因组 DNA 为封阻。杂交后的载玻片加抗体地高辛-荧光

素,然后用含适量碘化丙锭的抗褪色剂封片,荧光显微镜观察染色体构型,并用安装 CCD 相机的 Pengu 150CL 照相。

2 结果与分析

2.1 9020-17-25-6 苗期的抗性鉴定及抗性来源分析

以铭贤 169 为感病对照,用条锈菌生理小种 CYR29、CYR30、CYR31、CYR32 和 CYR33 对 9020-17-25-6 进行苗期抗性鉴定,结果(表 1)表明,9020-17-25-6 对我国当前条锈病流行小种均表现免疫或近免疫。因此,9020-17-25-6 是一个抗小麦条锈病的优良抗源。

为明确 9020-17-25-6 对小麦条锈病的抗性来源,用 CYR29、CYR30、CYR31、CYR32 和 CYR33 5 个小麦条锈菌生理小种对华山新麦草和 7182 进行了苗期抗性鉴定,结果(表 1)显示,9020-17-25-6 的抗病反应型与华山新麦草相似,为免疫到近免疫(IT 0~0₁);而 7182 与铭贤 169 相似(IT 3⁺~4)。据此推断,9020-17-25-6 对条锈病的抗性可能来自于华山新麦草。

表 1 易位系 9020-17-25-6 及其亲本苗期的抗条锈性鉴定结果

基因型 Genotype	反应型 Infection type				
	CYR29	CYR30	CYR31	CYR32	CYR33
9020-17-25-6	0 ₁	0	0 ₁	0 ₁	0 ₁
铭贤 169 Mingxian 169	4	3 ⁺	4	4	4
华山新麦草 <i>Psathyrostachys huashanica</i>	0	0	0	0 ₁	0
7182	4	4	4	4	3 ⁺

2.2 9020-17-25-6 苗期抗病性遗传分析

用条锈菌生理小种 CYR32、CYR33 对 9020-17-25-6、铭贤 169 以及 9020-17-25-6 与铭贤 169 杂交后代群体 F₁、BC₁、F₂、F₃ 进行抗性鉴定,结果(表 2)显示,所有杂交组合的 F₁ 代植株均表现抗病。接种 CYR32 的 175 株 F₂₋₁ 群体中,135 株抗病,40 株感病,抗感的分离比符合 3 : 1($\chi^2=0.32,P=0.51$);164 株 F₂₋₂ 群体中,120 株抗病,44 株感病,抗感的分离比也符合 3 : 1;F₁ 代与感病亲本杂交的 39 株 BC₁ 代群体中,21 株抗病,18 株感病,抗感分离比符合 1 : 1($\chi^2=0.10,P=0.63$);1 个正交 F₃₋₁ 代家系(由 F₂₋₁ 获得)中纯抗家系、分离家系、纯感家系的抗感分离比均符合 1 : 2 : 1。结果表明,1 对显性基因控制 9020-17-25-6 对 CYR32 的抗病性。接种 CYR33 的 163 株 F₂₋₃ 群体中,124 株抗病,39 株感

病,抗感的分离比符合 3 : 1($\chi^2=0.05,P=0.75$);BC₁ 代群体的抗感分离比符合 1 : 1;1 个正交 F₃₋₂ 代家系(由 F₂₋₃ 获得)中纯抗家系、分离家系、纯感家系的抗感分离比均符合 1 : 2 : 1。结果表明,1 对显性基因控制 9020-17-25-6 对 CYR33 的抗病性。

2.3 9020-17-25-6 的细胞学特征

为明确 9020-17-25-6 是否含有华山新麦草染色体片段,以华山新麦草总 DNA 为探针,中国春基因组 DNA 为封阻进行了基因组原位杂交(GISH),结果(图 1)显示,9020-17-25-6 含有完整的 42 条小麦染色体,呈现 PI 套染的红色,并发现有 1 对染色体片段呈现黄绿色的外源 DNA 杂交信号。这表明 9020-17-25-6 含有来自华山新麦草的染色体或大的染色体片段,是一个源于华山新麦草的小麦-华山新麦草易位系。

表 2 9020-17-25-6 与铭贤 169 杂交的 F₁、BC₁、F₂、F₃ 抗条锈病遗传分析

Table 2 Inheritance analysis of parents and F₁, BC₁, F₂, and F₃ generations from cross Mingxian 169/9020-17-25-6 against Pst races

亲本及组合 Parent or cross	世代 Generation	生理小种 Stripe rust race	抗病株 Resistant plant	感病株 Susceptible plant	理论分离比 Theoretical ratio	χ^2	P 值 P-value
9020-17-25-6 铭贤 169 Mingxian 169 P ₂ /P ₁	P ₁		20				
	P ₂			19			
	F ₁		20				
	BC ₁	CYR32	21	18	1 : 1	0.10	0.63
	F ₂₋₁		135	40	3 : 1	0.32	0.51
	F ₂₋₂		120	44	3 : 1	0.20	0.59
	F ₃₋₁		48(85)	40	1 : 2 : 1	0.79	0.67
9020-17-25-6 铭贤 169 Mingxian 169 P ₂ /P ₁	P ₁		20				
	P ₂			20			
	F ₁		20				
	BC ₁	CYR33	22	19	1 : 1	0.09	0.64
	F ₂₋₃		124	39	3 : 1	0.05	0.75
	F ₂₋₄		145	42	3 : 1	0.52	0.42
	F ₃₋₂		42(79)	38	1 : 2 : 1	0.21	0.90

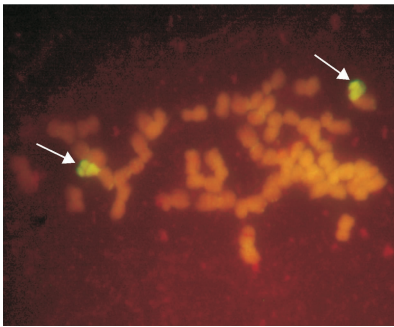


图 1 9020-17-25-6 的原位杂交结果
图中箭头示华山新麦草染色体

Fig. 1 In situ hybridization analysis of line 9020-17-25-6
Arrow is chromosome of *Psathyrostachys huashanic*

3 讨 论

由于新的条锈菌小种不断出现,使得国内外的大量抗源及主栽小麦品种面临抗病性丧失的威胁。华山新麦草与普通小麦的可杂交性好,二者的染色体具有相对稳定的替换关系,存在于普通小麦的华山新麦草染色体可以稳定遗传^[18]。因此利用含有抗条锈病基因的华山新麦草易位系选育强优势抗病小麦品种,是解决主栽小麦品种抗性丧失的新途径。

根据西北农林科技大学植物保护学院抗病遗传课题组多年室内和田间试验鉴定结果,易位系 9020-17-25-6 具有良好的全生育期抗病性。本研究对 9020-17-25-6 的抗条锈性鉴定结果表明,9020-17-25-6 对我国目前流行的条锈菌小种具有优良的抗病性,推测抗病基因可能来源于华山新麦草。对 9020-17-25-6 与感病品种铭贤 169 杂交的 F₂ 代群体接种

CYR32 和 CYR33 发现,其抗、感的分离比例符合 3 : 1 的单显性基因分离模式,说明衍生于华山新麦草的小麦新抗源 9020-17-25-6 对条锈病的抗性由 1 对显性核基因控制。但该基因在 9020-17-25-6 染色体上的具体位置有待通过分子标记进一步确定。周新力等^[13]的研究表明,小偃 54 可以作为高温抗条锈基因的资源,之后 Zhou 等^[16]在此基础上对小偃 54 高温抗条锈病基因进行了定位,得到了与抗病基因紧密连锁的标记。姚强等^[19]对小偃 9323 进行了抗条锈基因的遗传分析,之后唐明双等^[20]对小偃 9323 进行了基因定位,得到了与抗病基因紧密连锁的标记。表明后续开展的基因定位工作对培育抗条锈小麦品种具有重要意义。

本研究 GISH 分析表明,9020-17-25-6 含有来自华山新麦草的染色体或大的染色体片段,推测抗病基因来源于华山新麦草染色体。事实上,在小麦与华山新麦草的杂种后代中,这种既含有外源有利性状但又有明显的细胞学和遗传学改变的附加系和易位系已有报道^[15,21]。9020-17-25-6 外源染色质的易位片段达到了整个染色体短臂,但是从农艺性状上与 7182 并无明显区别,说明该短臂可能行使原来染色体臂上若干基因的功能,但其抗性基因整合到小麦染色体上的位置尚需进一步研究。小麦易位系的选育既具有实际意义,又具有理论价值,易位系可以将供体种属的一些优良基因导入受体小麦品种。本研究综合运用基因组原位杂交、抗病性鉴定等方法对 9020-17-25-6 进行检测,结果表明,9020-17-25-6 为农艺性状优良的华山新麦草易位系,其抗病基

因来源于华山新麦草,可作为培育小麦抗条锈病种质的抗源,这对生产实践和理论研究均有一定的利用价值。

[参考文献]

- [1] 李振岐,曾士迈. 中国小麦锈病 [M]. 北京:中国农业出版社,2002.
- Li Z Q, Zeng S M. Wheat rust in China [M]. Beijing: Chinese Agriculture Press, 2002. (in Chinese)
- [2] 曾兴全,王长有,刘新伦,等. 普通小麦-奥地利黑麦抗条锈病衍生系 NR1121 的鉴定 [J]. 西北农林科技大学学报:自然科学版,2010,38(2):63-68.
- Zeng X Q, Wang C Y, Liu X L, et al. Identifications of wheat-*Secale cereal* Derivative NR1121 resistant to stripe rust [J]. Journal of Northwest A&F University: Nat Sci Ed, 2010, 38(2):63-68. (in Chinese)
- [3] Chen X. Epidemiology and control of stripe rust [*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*] on wheat [J]. Canadian Journal of Plant Pathology, 2005, 27: 314-337.
- [4] Wan A M, Zhao Z H, Chen X M, et al. Wheat stripe rust epidemic and virulence of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China in 2002 [J]. Plant Disease, 2004, 88(8): 896-904.
- [5] Wellings C R. Global status of stripe rust: A review of historical and current threats [J]. Euphytica, 2011, 179(1): 129-141.
- [6] Lu Y, Wang M N, Chen X M, et al. Mapping of Yr62 and a small-edect for high-temperature adult-plant resistance to stripe rust in spring wheat PI 192252 [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2014, 127: 1449-1459.
- [7] Chen X M, Coram T, Huang X L, et al. Understanding molecular mechanisms of durable and nondurable resistance to stripe rust in wheat using a transcriptomics approach [J]. Current Genomics, 2013, 14: 111-126.
- [8] Chen X M, Penman L, Wan A M, et al. Virulence races of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in 2006 and 2007 and development of wheat stripe rust and distributions, dynamics, and evolutionary relationships of races from 2000 to 2007 in the United States [J]. Canada Journal of Plant Pathology, 2010, 32: 315-333.
- [9] Wang M N, Chen X M, Xu L S, et al. Registration of 70 common spring wheat germplasm lines resistant to stripe rust [J]. Journal of Plant Registrations, 2012, 6: 1-7.
- [10] 杨作民,解超杰,孙其信. 后条中 32 时期我国小麦条锈抗源之现状 [J]. 作物学报, 2003, 29(2): 161-168.
- Yang Z M, Xie C J, Sun Q X. Situation of the sources of stripe rust resistance of wheat in the post-CYR32 in China [J]. Acta Agronomica Sinica, 2003, 29(2): 161-168. (in Chinese)
- [11] Wan A M, Chen X M, He Z H. Wheat stripe rust in China [J]. Australia Journal of Agricultural and Research, 2007, 58: 605-619.
- [12] 马东方,周新力,井金学,等. 小偃 6 号成株期高温抗条锈性遗传分析 [J]. 植物保护学报, 2013, 40(1): 33-37.
- Ma D F, Zhou X L, Jing J X, et al. Inheritance analysis of adult plant high-temperature stripe rust resistance in wheat cultivar Xiaoyan 6 [J]. Acta Phytophylacica Sinica, 2013, 40(1): 33-37. (in Chinese)
- [13] 周新力,王保通,尹军良,等. 小偃 54 高温抗条锈病基因的遗传分析 [J]. 西北农林科技大学学报:自然科学版, 2011, 39(12): 129-133.
- Zhou X L, Wang B T, Yin J L, et al. Inheritance analysis of high-temperature resistance to stripe rust in Xiaoyan 54 [J]. Journal of Northwest A&F University: Nat Sci Ed, 2011, 39(12): 129-133. (in Chinese)
- [14] 陈淑阳,张安静,傅杰. 普通小麦与华山新麦草的杂交 [J]. 遗传学报, 1991, 18(6): 508-512.
- Chen S Y, Zhang A J, Fu J. The hybridization between *Triticum aestivum* and *Psathyrostachys huashanica* [J]. Acta Genetica Sinica, 1991, 18(6): 508-512. (in Chinese)
- [15] Kang H Y, Wang Y, Fedak G, et al. Introgression of chromosome 3Ns from *Psathyrostachys huashanica* into wheat specifying resistance to stripe rust [J]. PLoS One, 2011, 6(7): e21802.
- [16] Zhou X L, Wang W L, Wang L L, et al. Genetics and molecular mapping of genes for high-temperature resistance to stripe rust in wheat cultivar Xiaoyan 54 [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2011, 123: 431-438.
- [17] Chang Z J, Zhang X J, Yang Z J, et al. Characterization of a partial wheat-*Thinopyrum intermedium* amphiploid and its reaction to fungal diseases of wheat [J]. Hereditas, 2010, 147: 304-312.
- [18] 赵继新,陈新宏,王小利,等. 普通小麦-华山新麦草异代换系和附加系的 C-分带鉴定 [J]. 西北农林科技大学学报:自然科学版, 2003, 31(6): 1-4.
- Zhao J X, Chen X H, Wang X L, et al. C-banding identification of alien substitution lines and alien additional lines in *Triticum-Psathyrostachys* [J]. Journal of Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forest: Nat Sci Ed, 2003, 31(6): 1-4. (in Chinese)
- [19] 姚强,张贵,贺苗苗,等. 小偃 9323 的抗条锈性遗传分析 [J]. 麦类作物学报, 2010, 30(1): 43-45.
- Yao Q, Zhang G, He M M, et al. Inheritance of resistance to stripe rust in wheat cultivar Xiaoyan 9323 [J]. Journal of Triticeae Crops, 2010, 30(1): 43-45. (in Chinese)
- [20] 唐明双,马东方,王海鸽,等. 小麦品种小偃 9323 抗条锈基因的遗传分析和分子作图 [J]. 作物学报, 2013, 39(5): 855-861.
- Tang M S, Ma D F, Wang H G, et al. Genetic analysis and molecular mapping of stripe rust resistance gene in wheat cultivar Xiaoyan 9323 [J]. Acta Agronomica Sinica, 2013, 39(5): 855-861. (in Chinese)
- [21] Du W L, Wang J, Wang L M, et al. Molecular characterization of a wheat-*Psathyrostachys huashanica* Keng 2Ns disomic addition line with resistance to stripe rust [J]. Molecular Genetics and Genomics, 2014, 289: 735-743.